10-615-383a-16.rag.

Title: US-10-615-383A-16
Perfect score: 51
Sequence: 1 TYTFTDYVD 9

PN   WO9748727-A1.
XX
PD   24-DEC-1997.
XX
PF   18-JUN-1997;   97WO-SE001091.
XX
PR   20-JUN-1996;   96SE-00002496.
XX
PA   (GUSS/) GUSS B.
PA   (NILS/) NILSSON M.
PA   (FRYK/) FRYKBERG L.
PA   (FLOC/) FLOCK J.
PA   (LIND/) LINDBERG M.
XX
PI   Guss B, Nilsson M, Frykberg L, Flock J, Lindberg M;
XX
DR   WPI ; 1998-063079/06.
DR   N-PSDB; AAV04279.
DR   PC:NCBI ; gi 3201550.
XX
PT   Fibrinogen-binding protein from coagulase-negative Staphylococcus - used
PT   for prevention, treatment and diagnosis of Staphylococcus infection.
XX
PS   Example 3; Fig 6; 45pp; English.
XX
CC   The protein comprises the fibrinogen binding protein (FIG) of coagulase-
CC   negative Staphylococcus epidermidis HB. Its amino acid sequence was
CC   deduced from the isolated fig gene (see AAV04279). The closest known
CC   analogue of FIG is the clumping factor of S. aureus which also binds
CC   fibrinogen and promotes bacterial aggregation in serum. Recombinant FIG
CC   polypeptides can be expressed in host cells. They are used as immunogens,
CC   particularly in vaccines (which may be expressed in vivo) to protect
CC   humans and animals against coagulase-negative Staphylococcus infection.
CC   Antibodies raised against FIG can be used for passive immunisation. They
CC   block the adherence of bacteria) and for diagnosis. (Updated on 17-OCT-
CC   2003 to standardise CS field)
CC
CC   Revised record issued on 18-OCT-2007 : Enhanced with precomputed
CC   information from BOND.
X
SQ   Sequence 1092 AA;

      Query Match   100.0%; Score 51; DB 2; Length 1092;
      Best Local Similarity   100.0%; Pred. No. 25;
      Matches   9; Conservative   0; Mismatches   0; Indels   0; Gaps   0;

Qy   1 TYTFTDYVD 9
            |||||||||
Db   372 TYTFTDYVD 380

US-10-615-383A-10
Perfect score: 4824
Sequence: 1 LKKNNLLTKKKPIANKSNKY.........FAGLGALLLGKRFKNFRKNKN 930

-10-615-383a-10.rag.

Untitled

```
  Query Match                    93.0%;  Score 4485;  DB 2;  Length 1092;
  Best Local Similarity    81.1%;  Pred. No. 2.4e-212;
  Matches  883;  Conservative  19;  Mismatches  27;  Indels 160;  Gaps    3;

Qy      2 KKNNLLTKKKPIANKSNKYAIRKFTVGTASIVIGAALLFGLGHNEAKAEENTVQDVKDSN 61
          ||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||::|||||||
Db      4 KKNNLLTKKKPIANKSNKYAIRKFTVGTASIVIGATLLFGLGHNEAKAEENSVQDVKDSN 63

Qy     62 MDDELSDSNDQSSNEEKNDVINNSQSINTDDDNQ-IKKEETNSNDAIENRSKDITQSTTN 120
          |:||||||||||::||||||:||||:|||:||||::|||||::||:||||:|:::|||||
Db     64 TDDELSDSNDQSSDEEKNDVINNNQSINTDDNNQIIKKEETNNYDGIEKRSEDRTESTTN 123

Qy    121 VDENEATFLQKTPQDNTQLKEEVVKEPSSVESSNSSMDTAQQPSHTTINSEASIQTSDNE 180
          ||||||||||||||||:|||||||:|||||||||:||||||||||||||:||:||||||:
Db    124 VDENEATFLQKTPQDNTHLTEEEVKESSSVESSNSSIDTAQQPSHTTINREESVQTSDNV 183

Qy    181 ENSRVSDFANSKIIESNTESNKEENTIEQPNKVREDSITSQPSSYKNIDEKISNQDELLN 240
          |:|:||||||||||:|||:|||||||:||||||||:|:||||||:||||||:|||||||
Db    184 EDSHVSDFANSKIKESNTESQKEENTIEQPNKVKEDSTTSQPSGYTNIDEKISNQDELLN 243

Qy    241 LPINEYENKVRPLSTTSAQPSSKRVTVNQLAAEQGSNVNHLIKVTDQSITEGYDDSDGII 300
```

```
                |||||||||| |||||||||| |||||||||| |||||||||| |||||||||| ||||||||:|:|
Db    244 LPINEYENKARPLSTTSAQPSI KRVTVNQLAAEQGSNVNHLI KVTDGSI TEGYDDSEGVI 303

                |||||||||| |||||||||| |||||||||| |||||||||| |||||||||| ||||||||||
Qy    301 KAHDAENLI YDVTFEVDDKVKSGDTMIVNI DKNTVPSDLTDSFAI PKI KDNSGEI I ATGT 360

                |||||||||| |||||||||| |||||||||| |||||||||| |||||||||| ||||||||||
Db    304 KAHDAENLI YDVTFEVDDKVKSGDTMIVDI DKNTVPSDLTDSFTI PKI KDNSGEI I ATGT 363

                |||||||||| |||||||||| |||||||||| |||||||||| |||||||||| ||||||||||
Qy    361 YDNTNKQI TYTFTDYVDKYENI KAHLKLTSYI DKSKVPNNNTKLDVEYKTALSSVNKTI T 420

                |||||||||| |||||||||| |||||||||| |||||||||| |||||||||| ||||||||||
Db    364 YDNKNKQI TYTFTDYVDKYENI KAHLKLTSYI DKSKVPNNNTKLDVEYKTALSSVNKTI T 423

                |||||||||| |||||||||| |||||||||| ||||||||:| |||||||||| ||||||||||
Qy    421 VEYQKPNENRTANLQSMFTNI DTKNHTVEQTI YI NPLRYSAKETNVNI SGNGDEGSTI I D 480

                |||||||||| |||||||||| |||||||||| ||||||||:| |||||||||| ||||||||||
Db    424 VEYGRPNENRTANLQSMFTNI DTKNHTVEQTI YI NPLRYSAKETNVNI SGNGDEGSTI I D 483

                |||||||||| |||||||||| |||||||||| |||||||||| |||||||||| ||||||||||
Qy    481 DSTI I KVYKVGDNCNLPDSNRI YDYSEYEDVTNDDYAQLGNNNDVNI NFGNI DSPYI I KV 540

                |||||||||| |||||||||| |||||||||| |||||||||| |||||||||| ||||||||||
Db    484 DSTI I KVYKVGDNCNLPDSNRI YDYSEYEDVTNDDYAQLGNNNDVNI NFGNI DSPYI I KV 543

                |||||||||| |||||||||| |||||||||| |||||||||| |||||||||| ||||||||||
Qy    541 I SKYDPNKDDYTTI CQTVTMQTTI NEYTGEFRTASYDNTI AFSTSSGCQGQGDLPPEKTYK 600

                |||||||||| |||||||||| |||||||||| |||||||||| |||||||||| ||||||||||
Db    544 I SKYDPNKDDYTTI CQTVTMQTTI NEYTGEFRTASYDNTI AFSTSSGCQGQGDLPPEKTYK 603

                |||||||||| |||||||||| |||||||||| |||||||||| |||||||||| ||||||||||
Qy    601 I GDYVWEDVDKDGI CNTNDNEKPLSNVLVTLTYPDGTSKSVRTDEEGKYQFDGLKNGLTY 660

                |||||||||| |||||||||| |||||||||| |||||||||| |||||||||| ||||||||||
Db    604 I GDYVWEDVDKDGI CNTNDNEKPLSNVLVTLTYPDGTSKSVRTDEDGKYQFDGLKNGLTY 663

                |||||||||| |||||||||| |||||||||| |||||||||| |||||||||| ||||||||||
Qy    661 KI TFETPEGYTPTLKHSGTNPALDSEGNSVWWTI NGCDDMTI DSGFYQTPKYSLGNYVWY 720

                |||||||||| |||||||||| |||||||||| |||||||||| |||||||||| ||||||||||
Db    664 KI TFETPEGYTPTLKHSGTNPALDSEGNSVWWTI NGCDDMTI DSGFYQTPKYSLGNYVWY 723

                |||||||||| |||||||||| |||||||||| |||||||||| |||||||||| ||||||||||
Qy    721 DTNKDGI CGDDEKGI SGVKVTLKDENGNI STTTTDENGKYQFDNLNSGNYI VHFDKPSG 780

                |||||||||| |||||||||| |||||||||| |||||||||| |||||||||| ||||||||||
Db    724 DTNKDGI CGDDEKGI SGVKVTLKDENGNI STTTTDENGKYQFDNLNSGNYI VHFDKPSG 783

                |||||||||| |||||||||| |||||||||| |||||||||| ||||:|||:|
Qy    781 MTQTTTDSGDDDEQDADGEEVHVTI TDHDDFSI DNGYYDDDSDSDSDSDSD------ 833

                |||||||||| |||||||||| |||||||||| |||||||||| ||||:|||:|
Db    784 MTQTTTDSGDDDEQDADGEEVHVTI TDHDDFSI DNGYYDDSDSDSDSDSDSDSDS 843

Qy    834 --------------------------------------------------------- 833

Db    844 DSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDS 903

Qy    834 --------------------------------------------------------- 833

Db    904 DSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDS 963

                |||||||||| |||||||||| |||||||||| |||||||||| ||||||||||
Qy    834 DSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSGLD------------- 880

                |||||||||| |||||||||| |||||||||| |||||||||| ||||||||||
Db    964 DSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSDSVSDSDSDSDSDS 1023

                                            |||||||||| ::|||||:|
Qy    881 -------------------NSSDKNTKDKLPDTGANEDHDSKGTLLGALFAGLGALLLGK 921

                                            |||||||||| ::|||||:|
Db   1024 GSDSDSDSDSDSDNDSDLGNSSDKSTKDKLPDTGANEDYGSKGTLLGTLFAGLGALLLGK 1083

                |||||||||
Qy    922 RRKNRKNKN 930

                |||||||||
Db   1084 RRKNRKNKN 1092
```